



ПРОГРАММА

II Всероссийской конференции с международным участием «Высокопроизводительное секвенирование в геномике»

18 – 23 июня 2017 г.
Новосибирск,
Морской проспект 23,
малый зал Дома Ученых СО РАН

18 июня

15:00	Начало регистрации
16:30	Открытие конференции
16:45	Александр Графодатский ИМКБ СО РАН <i>Разнообразие геномов млекопитающих на хромосомном уровне.</i>
17:30	Вадим Говорун НИИ Физико-химической медицины ФМБА <i>Проблема интеграции данных с использованием омиксных технологий.</i>

19 июня

Секция “Белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция”

модераторы Александр Габитов, Галина Карпова

9:00	Александр Гопаненко Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН <i>Клеточные мРНК, участвующие в сплайсинге, – партнеры рибосомного белка eS1 человека, выявленные с использованием метода PAR-CLIP.</i>
9:25	Юлия Каргаполова Центр молекулярной медицины (Кельн, Германия) <i>A novel crosslinking and immunoprecipitation method reveals the function of CSTF2tau in alternative processing of snRNAs.</i>
9:50	Дмитрий Грайфер Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН <i>Регионы хроматина, ассоциированные с ядрышком, – мишени рибосомного белка uS3, выявленные с помощью метода ChIP-seq.</i>
10:10	Дмитрий Андреев НИИ Физико-Химической Биологии имени А.Н. Белозерского, МГУ <i>Рибосомный профайлинг - универсальный инструмент изучения регуляции экспрессии генов.</i>
10:35	Кофе-брейк
10:55	Алексей Малыгин Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН <i>Исследование функций рибосомных белков человека в регуляции экспрессии генов на уровне трансляции с использованием рибосомного профайлинга.</i>
11:20	Петр Сергиев Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова <i>Применение метода Flowseq для анализа эффективности трансляции библиотек бактериальных мРНК.</i>
11:45	Алексей Белогуров Институт биоорганической химии РАН <i>Разрушать, чтобы жить: особенности круговорота убиквитина в динамике.</i>
12:10	Мирослав Нуридинов Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Данные Hi-C Gallus gallus показывают взаимосвязь между свойствами генома и архитектурой хромосом.</i>
12:35	Илья Флямер University of Edinburgh, Institute of Genetics and Molecular Medicine, MRC HGU <i>Масштабная реорганизация трёхмерной структуры хроматина при образовании зиготы, выявленная Hi-C на единичных ядрах.</i>
13:00	Обед

Секция “NGS и анализ данных”

Модератор Алла Лapidус

14:00	<p>Федор Колпаков Институт вычислительных технологий СО РАН</p> <p><i>GTRD: база данных по сайтам связывания транскрипционных факторов, идентифицированных при помощи ChIP-seq экспериментов.</i></p>
14:25	<p>Ольга Киселева НИИ биомедицинской химии РАМН</p> <p><i>«Мультимикс» для исследования гетерогенности протеома.</i></p>
14:50	<p>Алла Лapidус Санкт-Петербургский государственный университет</p> <p><i>Task driven conversion of the SPAdes genome assembler into a family of SPAdes tools.</i></p>
15:15	<p>Михаил Лебедин Институт биоорганической химии РАН</p> <p><i>Молекулярное баркодирование как средство безошибочного анализа репертуара антител.</i></p>
15:40	<p>Юрий Букин Лимнологический институт СО РАН</p> <p><i>Процедура тримминга метагеномных данных, полученных путем высокопроизводительного секвенирования ампликонов.</i></p>
16:05	<p>Артем Богомолов Компания Хеликон</p> <p><i>NGS на потоке: как облегчить жизнь лаборатории. Обзор решений для автоматизации рабочего процесса.</i></p>
16:20	<p>Валерий Харламов Компания Альбиоген</p> <p><i>На пороге новых открытий вместе с Illumina.</i></p>
16:35	Кофе-брейк

20 июня

Секция “Метагеномика”

Модераторы Николай Равин, Евгений Андронов

9:00	Марсель Кабилов Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН <i>Проблемы и перспективы глубокого секвенирования ампликонов на примере 16S рРНК.</i>
9:25	Елена Лихошвай Лимнологический институт СО РАН <i>Перспективы применения NGS для структурно-функциональной характеристики водных экосистем.</i>
9:50	Тамара Земская Лимнологический институт СО РАН <i>Метагеномный анализ микробных сообществ для исследования цикла метана в озере Байкал.</i>
10:15	Виталий Кадников ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН <i>Молекулярный анализ микробного сообщества холодного сипа моря Лаптевых, обеспечивающего вовлечение метана в трофические цепи.</i>
10:40	Кофе-брейк
11:05	Елена Минчева Лимнологический институт СО РАН <i>Метагеномный подход к исследованию цветения нитчатых зеленых водорослей в Байкале: первые результаты.</i>
11:30	Николай Равин ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН <i>Метагеномный анализ экстремальных экосистем для характеристики некультивируемых линий микроорганизмов.</i>
11:55	Евгений Андронов Всероссийский институт сельскохозяйственной микробиологии РАСХН <i>Эволюционный и адаптационный потенциал почвенного микробиома.</i>
12:20	Елизавета Старикова НИИ физико-химической медицины ФМБА <i>Анализ фаговых путей распространения генов антибиотикорезистентности с использованием метагеномных данных.</i>
12:45	Обед

Секция “Геномика прокариот и вирусов”

Модераторы Николай Равин, Евгений Андронов

14:00	Татьяна Бутина Лимнологический институт СО РАН <i>Метагеномный анализ вирусных сообществ в озере Байкал.</i>
14:25	Екатерина Аксенова ФНИ центр эпидемиологии и микробиологии им. Н. Ф. Гамалеи <i>Особенности адаптации грамположительных и грамотрицательных бактерий к организму-хозяину.</i>
14:50	Анна Стенкова Тихоокеанский институт биоорганической химии ДВО РАН <i>Геномный анализ двух фукоидан-деградирующих альгоассоциированных флавобактерий <i>Formosa algae</i> КММ 3553 и КММ 8021.</i>
15:15	Константин Мирошников Институт биоорганической химии РАН <i>Оценка генетического разнообразия бактериальных патогенов картофеля.</i>
15:40	Виктория Мунтян Всероссийский институт сельскохозяйственной микробиологии РАСХН <i>Внутривидовой сравнительный анализ структуры хромосом клубеньковых бактерий люцерны <i>Sinorhizobium spp.</i></i>
16:05	Александр Манолов НИИ физико-химической медицины ФМБА <i>Поиск генов бактерий вида <i>Escherichia coli</i> ассоциированных с болезнью Крона.</i>
16:30	Павел Наталин Компания Thermo Fisher Scientific <i>Технология Ion Torrent для прецизионной геномики и медицины.</i>
16:45	Кофе-брейк Постерная сессия

Постерная сессия.

**Секции “Белок-НК, НК-НК взаимодействия и трансляция;
NGS и анализ данных; Метагеномика; Геномика прокариот и вирусов”**

- **Анна Кудряева**
Институт биоорганической химии РАН
Изучение внутриклеточного метаболизма полиубиквитиновых цепей разного типа ветвления.
- **Евгений Журавлев**
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
Высокопроизводительное секвенирование для анализа функционирования m5C/Ψ-модифицированных аналогов малых ядерных и малых ядрышковых РНК в клетках человека.
- **Кирилл Табанюхов**
Институт цитологии и генетики СО РАН
Анализ экспрессии генов в животных моделях агрессивного поведения.
- **Артур Дергилев**
Институт цитологии и генетики СО РАН
3D анализ хромосомных контактов с использованием высокопроизводительного секвенирования.
- **Николай Русских**
Компания «Новые Программные Системы»
Использование машинного обучения для платформы секвенирования нового поколения SeqLL.
- **Марк Израельсон**
Институт биоорганической химии РАН
Метод всестороннего анализа репертуаров T-клеточных рецепторов
- **Туяна Банзаракцаева**
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Таксономическое разнообразие протеобактерий в холодном источнике Буксыхен-сердечный (Бурятия).
- **Людмила Руднева**
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Метабаркодирование для выявления диеты у даурской пищухи.
- **Любовь Глухова**
Томский государственный университет
*Изучение молекулярных механизмов устойчивости гриба рода *Penicillium* к высоким концентрациям мышьяка и меди.*
- **Ольга Дагурова**
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Структура микробного сообщества прибрежной воды озера Байкал.
- **Иван Дубовский**
Институт систематики и экологии животных СО РАН
Изменение состава микробиоты кишечника при формировании устойчивости насекомых к энтомопатогенным бактериям.
- **Иван Егоров**
ВНИ технологический институт птицеводства РАСХН
Изучение зависимостей между структурой микробных сообществ кишечника и активностью пищеварительных ферментов организма птицы.

- **Илья Никонов**
ООО "БИОТРОФ"
Изучение микробиологических особенностей у кур мясных пород в эмбриональный и постэмбриональный периоды.
- **Нина Кулакова**
Лимнологический институт СО РАН
*Исследование изменений в микробиоме *Lubomirskia baicalensis* при массовом заболевании байкальских губок.*
- **Лариса Ильина**
ООО "БИОТРОФ"
Определение микробиоценозов кишечника кур породы «Хайсекс» методом T-RFLP в онтогенезе.
- **Наталья Наумова**
Институт почвоведения и агрохимии СО РАН
Bacterial 16S DNA diversity in soil under the Korean pine.
- **Евгений Олехнович**
НИИ физико-химической медицины ФМБА
Изучение геномного контекста генов резистентности кишечных микробов при помощи метагеномных данных.
- **Елена Эрдынеева**
Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН
Таксономическое разнообразие микробных сообществ двух соленых озер пустыни Бадаин Жаран (Внутренняя Монголия, Китай).
- **Алла Саксаганская**
Всероссийский институт сельскохозяйственной микробиологии РАСХН
Нуклеотидный анализ генов вирулентности клубеньковых бактерий люцерны
- **Александр Ильиных**
Институт систематики и экологии животных СО РАН
*Molecular determinants of gypsy moth (*Lymantria dispar*) nucleopolyhedrovirus virulence*
- **Анна Лемза**
ГНЦ ВБ "Вектор"
Ретроспективный генетический анализ геномов штаммов вируса натуральной оспы, выделенных во время вспышки оспы 1959-1960 гг. в г. Москва
- **Кирилл Мирошников**
Института биоорганической химии им. академиков РАН
*Характеристика геномов актуальных штаммов патогенов картофеля *Pectobacterium* и *Dickeya**
- **Мария Черкасова**
Всероссийский институт сельскохозяйственной микробиологии РАСХН
*Анализ геномного острова *Sme19T Sinorhizobium meliloti Rm1021*: GC-состав и стабильность внутренней структуры*

21 июня

10:00	Кофе-брейк
10:30	Андрей Ломоносов соруководитель Дорожной Карты Хелснет <i>Тематики и механизмы поддержки проектов ДК Хелснет НТИ в областях геномики и NGS.</i>
10:40	Кристина Яковлева компания Диаэм <i>Современные технологии транскриптомного анализа Lexogen.</i>

Секция “Геномика растений”

Модератор Алексей Кочетов

10:55	Алексей Кочетов Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Альтернативные ОРС в эукариотических мРНК.</i>
11:20	Алексей Пенин Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова <i>Ортологизация генов растений с использованием данных детализированных карт экспрессии.</i>
11:45	Елена Салина Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Реорганизация 5В хромосомы в процессе эволюции по данным физического картирования и секвенирования.</i>
12:10	Артем Касьянов Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН <i>Возникновение ассиметрии регуляторных элементов на ранних стадиях эволюции геномов полиплоидов на примере генома аллотетраплоида <i>Capsella bursa-pastoris</i>.</i>
12:35	Оксана Добровольская Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Ранние этапы развития соцветия пшеницы: изучение генетического контроля и физиологии.</i>
13:00	Обед
14:00	Николай Шмаков Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Исследование при помощи RNA-seq генов ячменя, контролирующих синтез хлорофилла.</i>

14:25	Валерия Вавилова Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Установление экзон-интронной структуры гена компактности колоса у ди-, тетра- и гексаплоидных пшениц.</i>
14:50	Надежда Омелянчук Институт цитологии и генетики <i>Auxin induced expression changes differ among functional gene groups.</i>
15:15	Виктор Левицкий Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Компьютерный анализ полногеномных данных указывает на роль типов хроматина в регуляции первичного ответа на этилен у Arabidopsis thaliana.</i>
15:40	Мария Логачева Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова <i>Метабаркодирование растений с помощью NGS: обзор возможностей и практический опыт.</i>
16:05	Кофе-брейк

22 июня

Секция “Палеогеномика”

Модераторы Александр Графодатский и Егор Прохорчук

9:00	<p>Анна Дружкова Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН</p> <p><i>Секвенирование митохондриальных геномов древних и современных представителей семейства медвежьи (Ursidae) Западной Сибири.</i></p>
9:25	<p>Надежда Воробьева Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН</p> <p><i>Сборка полного митохондриального генома лошади Оводова (Equus ovodovi) из Денисовой пещеры.</i></p>
9:50	<p>Мария Куслий Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН</p> <p><i>Генотипирование древних лошадей археологического памятника Яломан-II.</i></p>
10:15	<p>Екатерина Храмеева Сколковский институт науки и технологий</p> <p><i>Гены катаболизма липидов обогащены неандертальскими вариантами у современных европейцев.</i></p>
10:40	Кофе-брейк
11:05	<p>Егор Прохорчук ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН</p> <p><i>Сигналы отбора в геноме мамонтов.</i></p>
11:30	<p>Татьяна Татарина Институт проблем передачи информации РАН, Университет Южной Калифорнии, США</p> <p><i>Сравнение сравнений: математические методы сравнительного анализа современных и древних последовательностей.</i></p>

Секция “Геномика животных”

Модераторы Владимир Трифонов и Денис Ларкин

11:55	Денис Ларкин University of London <i>Реконструкция и анализ хромосомной организации геномов животных, отсеквенированных с помощью методов высокопроизводительного секвенирования.</i>
12:20	Алексей Макунин Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН <i>Высокопроизводительное секвенирование отдельных хромосом.</i>
12:45	Обед
14:00	Дарья Андреюшкова Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН <i>Анализ микродиссекционных библиотек хромосом стерляди (<i>Acipenser ruthenus</i>) с использованием данных высокопроизводительного секвенирования.</i>
14:25	Дмитрий Прокопов Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН <i>Изучение кариотипа копытного лемминга (<i>Dicrostonyx torquatus</i>) с помощью метода высокопроизводительного секвенирования отдельных хромосом.</i>
14:50	Наталья Стефанова Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Изменения транскриптома коры мозга при развитии признаков болезни Альцгеймера у крыс OXYS.</i>
15:15	Владимир Трифонов Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН <i>Секвенирование и анализ генома и транскриптома стерляди (<i>Acipenser ruthenus</i>).</i>
15:40	Мария Побединцева Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН <i>Молекулярная филогения гаплогрупп стерляди <i>Acipenser ruthenus</i> и сибирского осетра <i>A. baerii</i>, основанная на анализе полных митохондриальных геномов.</i>
16:05	Katja Schreiter Qiagen <i>Targeted Sequencing with UMI's by QIAseq technology.</i>
16:20	Кофе-брейк Постерная сессия

**Постерная сессия.
Секции “Геномика растений, Палеогеномика;
Геномика животных, Медицинская геномика”**

- **Екатерина Сергеева**
Институт цитологии и генетики СО РАН
Детальная организация геномных районов хромосомы 5В мягкой пшеницы, маркированных локусом 5S рДНК.
- **Вадим Шаров**
Сибирский федеральный университет
Сборка и аннотирование генома лиственницы сибирской.
- **Анна Щенникова**
Институт Биотехнологии, Федеральный исследовательский центр "Фундаментальные основы биотехнологии" РАН
*Гены факторов транскрипции YABBY в транскриптом микогетеротрофа *Monotropa hypopytis*.*
- **Анна Щенникова**
Институт Биотехнологии, Федеральный исследовательский центр "Фундаментальные основы биотехнологии" РАН
*Репродуктивное развитие паразитического растения *Monotropa hypopytis*: транскриптомный анализ MADS-box генов.*
- **Анастасия Глаголева**
Институт цитологии и генетики СО РАН
RNA-seq как наиболее подходящий способ для расшифровки молекулярных механизмов формирования признака в случае затрудненной идентификации метаболитов.
- **Дарья Новикова**
Институт цитологии и генетики СО РАН
Функциональная аннотация ауксин-чувствительных цис-регуляторных элементов.
- **Наталья Нуждина**
Центральный сибирский ботанический сад СО РАН
*Вариабельность внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) ядерной рибисомальной ДНК у эндемичных видов рода *Hedysarum*.*
- **Ксения Попова**
Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН
Изучение древней ДНК: митогеномы и В-хромосомы сибирской косули.
- **Кира Задесенец**
Институт цитологии и генетики СО РАН
*Изучение эволюции генома свободноживущего плоского червя *Macrostomum lignano* (Platyhelminthes, Turbellaria) с помощью высокопроизводительного секвенирования микродиссекционных ДНК-библиотек.*

- **Алёна Степанова**
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
Исследование транскриптома первичных эндотелиоцитов, культивируемых на поверхности микроволоконистых матриксов разного состава.
- **Полина Гервас**
НИИ онкологии, Томский НИМЦ
Полногеномное секвенирование нативной и фиксированной в формалине опухолевой ткани для идентификации в сравнительном аспекте молекулярно-генетических событий.
- **Евгений Денисов**
НИИ онкологии, Томский НИМЦ
Поиск генетических нарушений, ассоциированных с инвазией рака молочной железы: пилотное исследование.
- **Ольга Кривцова**
Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова
Transcriptome-based analysis of allele-specific gene expression in hepatocellular carcinoma.
- **Никита Литовка**
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
Структура кольцевых РНК плазмы крови человека.
- **Юлия Савиновская**
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
Влияние экзосом плазмы крови здорового человека на клетки человека in vitro.
- **Евгений Журавлев**
Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН
Роль секретлируемых некодирующих РНК в коммуникации между раковыми клетками.

23 июня

Секция “Медицинская геномика”

Модераторы Вадим Степанов и Ольга Фаворова

9:00	Айсен Соловьев Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова <i>Доказательства эффекта основателя по мутации сайта сплайсинга с.-23+IG>A гена GJB2 в некоторых популяциях Евразии по данным полногеномного анализа.</i>
9:25	Анна Бочарова НИИ медицинской генетики ТНИМЦ РАМН <i>Репликативный анализ ассоциаций генетических маркеров болезни Альцгеймера, шизофрении и когнитивных функций с помощью мультиплексного генотипирования методом MALDI-TOF масс-спектрометрии.</i>
9:50	Ольга Новикова Сибирский федеральный биомедицинский исследовательский центр имени ак. Е.Н. Мешалкина <i>Поиск генетических маркеров нестабильных атером.</i>
10:15	Мария Гридина Институт цитологии и генетики СО РАН <i>Установление границ хромосомных перестроек у пациентов с микроделециями и микродупликациями 3p26.3.</i>
10:40	Кофе-брейк
11:05	Дарья Жигалина Томский государственный университет <i>Сравнение эффективности методов NGS и array CGH при детекции хромосомных aberrаций у эмбрионов человека на стадии бластоцисты.</i>
11:30	Мария Голубенко НИИ медицинской генетики ТНИМЦ РАМН <i>Оценка уровня гетероплазмии митохондриальной ДНК при атеросклерозе сонных артерий.</i>
11:55	Артем Артемов ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН <i>Эпигенетические изменения при CRISPR/Cas9 инактивации гена VHL в клетках рака почки.</i>
12:20	Иван Киселев Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова <i>Полногеномные профили метилирования ДНК в CD4+ и CD14+ клетках больных рассеянным склерозом в зависимости от активности патологического процесса.</i>
12:45	Обед

14:00	<p>Марина Чухряева Компания ХимЭксперт <i>Таргетное секвенирование: кроссплатформенное решение.</i></p>
14:15	<p>Николай Скрябин НИИ медицинской генетики ТНИМЦ РАН <i>Таргетная оценка индекса метилирования с помощью бисульфитного секвенирования ампликонов.</i></p>
14:40	<p>Наталья Баулина Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова <i>Полнотранскриптомный анализ экспрессии микроРНК в мононуклеарных клетках крови при рассеянном склерозе.</i></p>
15:05	<p>Игорь Лебедев НИИ медицинской генетики ТНИМЦ РАН <i>Профилирование экспрессии генов в лимфоцитах индивидов с различной радиочувствительностью.</i></p>
15:30	<p>Евгений Егоров Институт биоорганической химии РАН <i>Возрастные изменения в структуре T-клеточных репертуаров.</i></p>
15:55	<p>Софья Касацкая Институт биоорганической химии РАН, Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова <i>Клональная селекция адаптивной субпопуляции Vδ1 гамма/дельта лимфоцитов, выявленная по анализу репертуаров ТКР наивных гамма/дельта T-лимфоцитов и T-клеток памяти.</i></p>
16:20	<p>Заккрытие конференции</p>